

# Comité de Investigación del coronavirus – Parte 7 | Por Jochen Mitschka

## ¿Delito de lesa majestad o juicio necesario?

*Un punto de vista de Jochen Mitschka.*

En las partes 1 y 2 de esta serie informamos sobre la primera audiencia del Comité del Coronavirus, titulada “Aprender del Comité de Investigación de la Gripe Porcina” (1). Las partes 3 y 4 describen la audiencia sobre el tema “La situación de las personas en las residencias” (2). En las partes 5 y 6 se dio un informe sobre la situación en Bérgamo (3). Hoy comenzamos con el resumen de la 4ª audiencia con el título: “El test de Drosten, la Inmunidad y la Segunda Ola”.

## Cómo funciona la prueba PCR

Un miembro del comité, la Sra. Viviane Fischer, explicó que la cuestión sobre los tests era una de sus preguntas clave y que ya había iniciado una petición sobre el tema, porque era importante tener una base de datos sólida para entender la dinámica de la propagación del virus. El estudio representativo que se había reclamado en la petición no existe a día de hoy; que, sin embargo, ahora se había realizado toda una serie de estudios, especialmente en el campo de la detección de anticuerpos, y que en ellos se había demostrado que la peligrosidad del virus estaba en el entorno de la gripe, al menos por lo que concluían estos estudios.

Que, por lo que respecta a la prueba PCR, existía una preocupación general sobre su capacidad para detectar la presencia de material infeccioso. Ella hace luego referencia a una prueba de aptitud o interlaboratorios realizada por el organismo de acreditación alemán. Había enviado muestras a los laboratorios, algunas de las cuales contenían el virus; otras habían sido contaminadas con un coronavirus inofensivo; y había una muestra en blanco. Y de ahí surgieron interesantes hallazgos: por ejemplo, en la muestra en blanco, el 1,4% dio un falso positivo; y cuando las muestras fueron analizadas con el coronavirus inofensivo, el 7,6% dio falsos positivos. [Los estudios se publicaron en el sitio web del comité (4).]

La Sra. Fischer señaló que la prueba, ampliamente utilizada en Italia por una empresa turca, había dado entre un 25 y un 40% de falsos positivos en la prueba de aptitud o interlaboratorios.

## Sra. Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Ulrike Kämmerer

Luego llegó el testimonio del primer experto. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer es viróloga e inmunóloga<sup>1</sup>. El Dr. Wodarg hizo las primeras preguntas. Ya en la primera frase señaló

*“cómo hasta ahora se está haciendo principalmente el ya mencionado diagnóstico de la prueba de PCR, que no es una prueba inmunológica, sino sólo una detección de ácido nucleico.”*

Wodarg mencionó que éste es un hallazgo importante, porque la prueba PCR sólo multiplica una cierta secuencia de moléculas definidas. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer añadió que el test sólo demuestra un pequeño segmento genético de una región seleccionada del virus, sin que se pueda decir si el virus está siquiera presente en toda su extensión.

Wodarg explicó que esto todavía no da ninguna indicación de ninguna reacción del cuerpo, que no se mide en absoluto lo que le ocurre al ser humano, sino sólo si existe en algún lugar del cuerpo la parte de un gen del virus.

Prof.<sup>a</sup> Kämmerer: *“Sólo indican si todavía hay un ácido nucleico presente, al igual que los científicos forenses, por ejemplo, prueban si hay algún rastro genético de alguien; lo que nada tiene que ver con células vivas, virus activos o cualquier enfermedad”*. Wodarg: *“¡Esta prueba no puede detectar la infección!”* La infección sería la reacción del cuerpo.

---

<sup>1</sup> La Prof.<sup>a</sup> Ulrike Kämmerer ostenta el puesto de colaboradora científica del Hospital Universitario de Würzburg. [Nota del revisor de la traducción].

La prueba PCR podría demostrar, respondió la Prof.<sup>a</sup> Kämmerer, que, si la prueba es suficientemente específica, el ácido nucleico se encontraría en el paciente; que, sin embargo, no se puede decir si el virus es capaz de replicarse, es decir, si se multiplica en el huésped, y tampoco se puede decir si el paciente enferma entonces a causa del virus; que habría una correlación: si alguien que tuviera signos de enfermedad y tuviera un recuento muy alto de ácidos nucleicos estuviese enfermo, entonces habría una probabilidad muy alta de que el virus fuera la causa, pero que la gran cantidad de personas que habían dado positivo y no tenían síntomas, era imposible decir si estaban infectadas con una carga viral o no.

Wodarg mencionó que ni siquiera se podía decir que estaban infectados porque una infección sería<sup>2</sup> la reacción del cuerpo. Esto fue confirmado por la Prof.<sup>a</sup> Kämmerer. *“En la superficie del frotis se encuentra este ADN viral, pero eso no significa que esté dentro de las células todavía y no significa que haya una carga viral intacta capaz de replicarse”*.

Desde el comité, el Dr. Füllmich señaló que en todo el mundo los resultados de la prueba PCR causan pánico una y otra vez, aunque la importancia de los resultados es prácticamente inexistente. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer señaló que hay pruebas de PCR para el VIH en las que se determina que a partir de una cierta sensibilidad el virus debe estar presente, pero que esto no es factible en el caso del coronavirus por el momento.

El Dr. Wodarg preguntó entonces si es posible validar esta prueba PCR de tal manera que en algún momento fuera posible detectar una infección con ella. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer respondió que habría que obtener un aislado del virus de los pacientes, como se ha hecho con otras enfermedades virales; que la prueba PCR funciona de forma logarítmica, de 1 salen 2, y comprueba si se ha multiplicado el ácido nucleico del virus. *“Se suele suponer que, si la prueba responde muy pronto, por ejemplo después de 20 a 25 ciclos de amplificación, entonces habría habido muchas partes del virus o ARN virales presentes, por lo que debe haber habido una carga viral correspondiente. Sin embargo, esto tendría que ser detectado y validado con esos pacientes y con los aislados directos del virus. Y todavía no he encontrado nada en la literatura de que esto se haya hecho.”*

Wodarg señaló que eso es exactamente lo que la UE exige de una prueba utilizada con fines de diagnóstico. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que también se están llevando a cabo pruebas de aptitud o interlaboratorios y que hay que analizar muestras desconocidas; que esto no se estaba haciendo en este momento.

Desde el comité se le pidió que explicase de nuevo cómo funciona la prueba PCR. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que la prueba PCR es una prueba de reacción en cadena de la polimerasa. Esta prueba se sirve del hecho de que la información genética, el ácido nucleico, puede ser multiplicado con enzimas especiales. Esto es también lo que la célula hace cuando se divide o tiene que multiplicar el ARNm, es decir, el ARN mensajero, para producir proteínas. El Sr. Kary Mullis recibió el Premio Nobel por esto. Había encontrado una enzima con la que se puede hacer esta multiplicación una y otra vez: se aísla el ácido nucleico del virus (en el caso de los coronavirus es un virus ARN), se transcribe en el ADN, es decir, la información genética, y entonces se puede iniciar el proceso seleccionando pequeños trozos de ácido nucleico, los llamados *primers*, que coinciden con la secuencia. Por supuesto, esto requiere, desafortunadamente, que los investigadores ya sepan lo que están buscando.

Esto significa que hay que tener la secuencia, que normalmente es de 20 nucleótidos individuales, partículas largas y pequeñas que se crean en el ordenador. Si no se sabe lo que se busca, entonces se elige un virus muy relacionado, que es lo que ha ocurrido en este caso, [pues] hay bastantes coronavirus beta y virus del SARS, y entonces uno ha preguntado: “¿qué regiones de estos virus?” Y como todos los virus conocidos son tan similares como es posible, se buscan dos patrones de reconocimiento que están separados por 80 y 200 nucleótidos.

---

2 Entiéndase: conllevaría [Nota del revisor de la traducción].

Y que entonces el proceso de duplicación se acopla a estos trozos. Aquí es donde comienza el proceso. El sistema utilizado en las pruebas de diagnóstico modernas tiene un tercer trozo, que se encuentra en el centro del segmento genético a amplificar, que se marca con un color fluorescente, y cada vez que se amplifican estos trozos SARS-CoV-2, se retira de nuevo este tercer trozo, y entonces hay una señal de color, y entonces el proceso comienza de nuevo desde el principio. Los tres trozos se unen al nuevo ácido nucleico, y la enzima busca el camino de vuelta; que es como una cremallera que va y viene, duplicándose cada vez.

Esta señal de color, que siempre está presente, es reconocida por los dispositivos modernos y, cuanto antes se tienen señales de color fácilmente detectables, más trozos de ácido nucleico duplicados se tienen en la muestra. Se dice que, si las señales vienen después de 25 de estas repeticiones, he tenido muchos trozos de ácido nucleico en él, y dicen que la muestra es positiva. Si recibe estas señales después de 40 ciclos, dicen que podría ser un falso negativo, que podría haber pasado algo. Teóricamente, la primera prueba PCR podría haber detectado 3,9 moléculas de un virus.

Desde el comité se volvió a preguntar si era correcto entender que la prueba no detectaba si una persona estaba infectada, enferma o muerta. Y esto fue confirmado por la Dr.<sup>a</sup> Kämmerer. ***“Con esta prueba sólo se puede demostrar que hay trozos del virus que se multiplican en el hisopo del paciente: nada más.”*** Así que no se puede decir todavía que es un virus que cause enfermedad o incluso un virus contagioso replicable.

Que, sin embargo, habría una limitación de la no pertinencia de la prueba positiva: si esta prueba PCR respondió muy pronto, ya se puede suponer que estas personas tienen realmente virus; que la pregunta sería dónde establecer el límite; que ello normalmente no se define en los trabajos; que este valor CQCT tiene que ser necesariamente incluido en la prueba; pero que nunca se especifica con qué prueba de PCR, en qué condiciones se obtienen estos resultados positivos; que, por lo tanto, no es posible evaluarlos: querer extraer alguna lectura de tales resultados es como leer los posos del café.

Wodarg informa de que en el distrito de Vogelsberg el oficial médico había contado 14 personas que dieron positivo, pero, como todos ellos estaban sanos y no mostraban signos de enfermedad, los había hecho examinar de nuevo; que a continuación todos dieron negativo.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que originalmente como especificaciones de referencia hay que duplicar tres secciones genéticas diferentes, y sólo si al menos dos de ellas dan una señal clara, se puede decir que la persona ha dado positivo; que, mientras tanto, hay una cantidad increíble de pruebas comerciales: si una prueba da positivo, la otra puede dar negativo, y la tercera puede dar negativo: cada prueba afectaría a una región genética diferente.

Wodarg preguntó de nuevo sobre el *test* más utilizado en la Charité [hospital universitario de Berlín]. De él se dijo que también indica otros virus del SARS anteriores.

**La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que estos viejos virus del SARS, que también se indicaban como nuevos coronavirus, se mencionaban incluso en el trabajo original, que se había publicado de la misma manera. Esto es, que esto no es una afirmación, sino un hecho indiscutible.**

Wodarg volvió a preguntar si había una encuesta sistemática que analizara cuáles de los antiguos virus son detectados por la prueba PCR, o [si] podía ser que las diferentes pruebas comerciales reaccionen de forma diferente a los viejos virus.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que no se sabe qué *test* detecta qué virus antiguos porque no se sabe nada de ellos; que no se sabe en absoluto qué detectan las diferentes pruebas; que no se conoce la secuencia que se está examinando; que, por lo tanto, no es posible comprobarlo en los bancos genéticos correspondientes.

Que, mientras no se den las secuencias exactas de las muestras de cebadores, no habrá posibilidad de comprobar lo que se está examinando; que la Charité debería tener un panel de todos los virus y hacer las pruebas con todos los virus presentes, en otras palabras: todos los coronavirus

relacionados, sin importar si provienen de murciélagos, humanos, ganado, gatos, camellos o cerdos; que sólo entonces se podría determinar qué *test* indicaría con total especificidad los virus SARS-CoV-2.

Que ello supondría, por supuesto, un trabajo enorme, pero que es absolutamente necesario para validar un *test*; pero que no ha aparecido todavía una publicación que haya hecho esto.

Wodarg dijo entonces que el virus SARS-CoV-2 estaba secuenciado; que había unas 30.000 secuencias; que están cambiando todo el tiempo; que se ha dicho una y otra vez que se estaba buscando el virus SARS-CoV-2, pero que en realidad se está encontrando toda clase de virus diferentes que nadie sabe ni si actúan ni dónde exactamente; que no se puede evaluar la patogenicidad del virus con esta prueba.

Prof.<sup>a</sup> Kämmerer: *“Este es un virus ARN, y éstos mutan a una velocidad increíble. Esto significa que, si se secuencian por todo el mundo, se encontrará una cantidad increíble de variantes. Que eso sería completamente normal; que, en el caso de los virus ARN, es muy raro encontrar secuencias idénticas.*

*Teóricamente, si se hacen cien pruebas con cien sistemas de detección diferentes, puede pasar que 50 den negativo, 30 den positivo y 20 no puedan ser evaluados. En última instancia lo que hay es que hay que secuenciar necesariamente lo que se ha duplicado para poder luego decir: “Sí, esto es exactamente lo que estaba buscando”.*

Wodarg explicó que este mundo del análisis genético es un mundo completamente diferente al del médico que analiza al paciente y su condición: que el mundo molecular se encuentran cadenas moleculares, pero que eso no tiene nada que ver con lo que regula la *Ley de Protección contra las Infecciones*, a saber, evitar que se transmita la enfermedad y la infección de una persona a otra.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer lo confirmó con estas palabras: *“Para eso Vd. tendría que tener, efectivamente, una detección de virus activa.”*

El comité preguntó por qué no se había aislado el virus: después de todo, habían pasado meses y mucha gente había muerto con un *test* positivo.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer confirmó que es posible, porque esto se ha hecho también con otros virus; que hay que hacer pruebas de frotis, que se hacen en cultivo celular y luego se multiplican; que esto no es muy fácil, pero sí posible, y que la duplicación también se ha hecho mientras tanto con SARS-CoV-2 en diferentes laboratorios; que los chinos llevan más ventaja; que, mientras tanto, hay trabajos que describen el aislamiento y la secuenciación de los virus: que con ello se prueba que el virus existe como tal, y que se puede replicar en personas que realmente tienen una carga viral muy alta; que el problema es que primero hay que encontrar a estas personas con una carga viral tan alta: una prueba PCR sin síntomas no es suficiente: que la gente tiene que estar muy enferma y el virus estar en su fase activa.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer confirmó entonces una vez más el entendimiento por parte del comité sobre cómo se había desarrollado la prueba de PCR.

*“Ellos [nota: el grupo de investigación de Drosten de la Charité] se habían enterado por los medios sociales de que un nuevo virus se estaba propagando en Wuhan, y luego preguntaron qué podía ser, se enteraron de que podía ser un coronavirus, [así que] entonces se pusieron a mirar los bancos genéticos y dijeron, “bueno, ese es el mínimo denominador común de todos los virus existentes, eso podría ser correcto”, así que crearon estas tres amplificaciones genéticas, y luego enviaron esta PCR allí. Esto está publicado... Corman et al., presentado el 21 de enero...”* Que la prueba de detección se había diseñado específicamente para **“detectar todos los coronavirus asiáticos, incluidos los virus de los murciélagos”**.

Era un “*test* de búsqueda”, lo que era perfectamente correcto: que uno primero miraría si era un virus de este grupo; que luego hay que secuenciar lo que se haya encontrado y decir, “Ya tengo la secuencia específica: ahora tengo que hacer pruebas PCR que sólo coincidan con este virus y excluyan todos los demás.”: que ése es el procedimiento correcto.

El comité dijo entonces que esto último no había ocurrido después de todo; que desde el principio han estado trabajando con el “*test* de búsqueda”, y que este *test* había servido de base, por ejemplo en Göttingen o en Tönnies, o en Berlín en una residencia, para “cerrar el quiosco” durante semanas; que, como jurista, el Dr. Füllmich no podía entender que sobre una base tan inestable se tomaran decisiones jurídicas de tal magnitud.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerich respondió que estaba de acuerdo en que ése era exactamente el problema, que tampoco lo entendía como científico naturalista; que lo que había sucedido allí no encajaba con lo que uno había aprendido como científico naturalista; y que ni siquiera se sabía con qué *test* se encontraron los resultados positivos: ¿fue el *test* original de Drosten? ¿O fue modificado el *test*? Y ¿en qué condiciones se utilizaron los *tests*?

La Dr.<sup>a</sup> Kämmerer pidió a los abogados que finalmente exigieran la publicación de los detalles de los *tests* comerciales; **que en Würzburg —así sospechaba ella— quizás hubiera un *test* más desarrollado, porque allí se habían encontrado muy pocos resultados positivos.**

Wodarg señaló entonces que uno, como responsable, debe hacer una operación, aunque sólo sea con un bastoncillo de algodón, y luego, como médico, debe soportar que la persona examinada pregunte: “¿Con qué me va a examinar Vd., cuáles son las consecuencias, qué método va a utilizar Vd., cómo es de seguro y qué dice el resultado después?”

Que en virtud de la nueva *Ley de control de infecciones*, que había sido enmendada muy rápidamente, el Ministro de Salud tenía la facultad de enviar personal no médico a realizar estas pruebas. Esto fue interrumpido por el comité porque se refería a cuestiones jurídicas.

La Sra. Fischer del comité informó entonces de que el comité estaba en contacto con laboratorios que también estaban recopilando información, y que a su vez estaban recopilando *kits* de prueba basados en “anteproyectos” publicados por las autoridades. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que es banal, porque las pruebas PCR se usan para toda clase de cosas: sólo hay que entrar en la base de datos genéticas, buscar las secuencias de virus y hacerse uno sus *primers* y luego puede crearse y comprobarse su propia prueba de PCR; que cualquier estudiante de licenciatura, cualquier estudiante de doctorado que trabaje en Biología Molecular, puede hacerlo; que esto se hacía un millón de veces al día.

El Dr. Hoffmann del comité preguntó entonces cómo se puede saber que los resultados de los *tests*, si detectan el virus “correcto” o no, son excepcionales; si es necesario hacer comparaciones con años anteriores.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que los coronavirus no le habían interesado a nadie en el pasado; que siempre habían estado presentes durante las epidemias de gripe, pero que siempre se les había llamado virus del resfriado banal; que había muy pocos datos que proporcionaran información sobre la fuerza con que los coronavirus eran corresponsables en las olas de la gripe en el pasado.

El Dr. Wodarg mostró entonces un gráfico con el porcentaje de coronavirus en los diagnósticos de virus; que habían sido tres publicaciones. Y de 2005 a 2017 siempre hubo porcentajes que a veces eran más grandes, a veces más pequeños. Si un virus se notó con más fuerza, el otro se encontró en cantidades más pequeñas. Que El Instituto Robert Koch no había empezado a investigar los coronavirus hasta marzo de 2020.

La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer añadió que, si la gripe hubiera sido fuerte, habría habido menos coronavirus; si la gripe hubiera “fallado”, como sucedió este año, simplemente habría más de los otros virus.

El Dr. Füllmich volvió a preguntar si era posible que el virus que buscamos hoy hubiera estado presente en años anteriores, pero que no se hubiera hecho una búsqueda específica de él.

Que esto no se sabía, fue la respuesta; que, sin embargo, como estos virus mutan de forma muy variable, es posible que esta variante sea nueva; pero ‘nuevo’ sólo significaría que se trataba de una nueva variante de los coronavirus beta existentes; para ser más precisos, que las muestras antiguas tendrían que ser examinadas y secuenciadas de nuevo; que, de lo contrario, no era posible averiguarlo; pero que eso era totalmente posible.

El Dr. Füllmich señaló que hoy en día no se trata de la prohibición de pisar el césped, sino que varias existencias han sido destruidas, y que, por lo tanto, un cierto esfuerzo parece justificado. La Prof.<sup>a</sup> Kämmerer explicó que habría que encontrar a alguien que todavía conserve muestras con material amplificable de esos años.

Luego llegó el asunto a los *tests* de anticuerpos, es decir, la detección de una infección sobreviviente.

### **Próximamente.**

En la próxima parte se discutirán los “*tests* de anticuerpos”, así como la cuestión de una “2ª ola”.

### **Fuentes:**

- (1) <https://kenfm.de/corona-untersuchungsausschuss-teil-1-von-jochen-mitschka/> und <https://kenfm.de/corona-untersuchungsausschuss-teil-2-von-jochen-mitschka/>
- (2) <https://kenfm.de/corona-untersuchungsausschuss-teil-3-von-jochen-mitschka/> und <https://kenfm.de/corona-untersuchungsausschuss-teil-4-von-jochen-mitschka/>
- (3) Zusammenfassung Teil 5: <https://kenfm.de/corona-untersuchungsausschuss-teil-5-von-jochen-mitschka/> Video: <https://corona-ausschuss.de/sitzung3/>
- (4) <https://corona-ausschuss.de/sitzung4/>

+++

Gracias al autor por el derecho a publicar.

+++

Fuente de la imagen: [\*OvalMedia\*](#)

+++

El KenFM se esfuerza por conseguir un amplio espectro de opiniones. Los artículos de opinión y las contribuciones de los invitados no tienen por qué reflejar las opiniones de la redacción.

+++

¿Te gusta nuestro programa? Información sobre otras posibilidades de apoyo aquí:

<https://kenfm.de/support/kenfm-unterstuetzen/>

+++

Ahora también puedes apoyarnos con Bitcoins.